Our Dermatology Online

Original Article

Role of skin microbiota and environmental factors in acne: Case-control study of 60 patients

Youssef Zemmez[1], Yasmine Farai[1], Sanaa El Aidouni[2], Jouad El Azhari[1], Mohamed El Amraoui[1], Rachid Frikh[1], Naoufal Hjira[1]

[1]Department of Dermatology and Venereology, Mohammed V Military Teaching Hospital, Rabat, Morocco, [2]Department of Biology, Faculty of Sciences, Ibn Tofail University, Kenitra, Morocco

Corresponding author: Youssef Zemmez, MD, E-mail: zemmez.youssef@gmail.com

ABSTRACT

Background: Acne vulgaris is a chronic, multifactorial inflammatory disease affecting the pilosebaceous unit. Its pathogenesis traditionally involves sebum overproduction, follicular hyperkeratinization, and Cutibacterium acnes. Recent studies have revealed a paradigm shift: dysbiosis of the skin microbiome, rather than the simple proliferation of C. acnes, plays a central role. **Objectives:** To analyze the composition of the skin microbiota in acne patients compared to healthy subjects, and to evaluate the influence of environmental factors on the development and severity of acne. **Methods:** Case-control study conducted at the Mohammed V Military Teaching Hospital (Rabat, January-June 2025) involving 60 participants (30 acne sufferers, 30 controls, aged 12-35). Skin samples (forehead, cheeks, chin) cultured on blood agar, chocolate agar, Chapman, and Sabouraud-chloramphenicol agar. Identification by microscopy and Biomerieux API galleries. **Results:** Acne patients had: high BMI (23.79±1.75 vs. 21.71±2.4 kg/m^2, p=0.043), hyperandrogenism (36.7% vs. 13.3%, p=0.037), high glycemic index diet (80% vs. 33.3%, p=0.0007), daily dairy products (70% vs. 40%, p=0.038), high stress (76.7% vs. 46.7%, p=0.034), and late bedtime (66.6% vs. 36.7%, p=0.039). C. acnes was more common (66.6% vs. 20%, p=0.0003), S. epidermidis less common (23.3% vs. 23.7%, p=0.0084). Yeasts (63.3% vs. 20%, p=0.0014) and polymicrobism (66.6% vs. 30%, p=0.0092) were increased. Correlation between severity and C. acnes: 11% (GEA 1-2) → 86% (GEA 4-5). **Conclusions:** Acne results from a complex interaction between microbial dysbiosis and environmental factors. The C. acnes/S. epidermidis imbalance plays a central role. These results point towards personalized management combining conventional treatments and nutritional/microbiotic approaches.

Key words: Acne, Skin microbiota, Environmental factors, Case-control studies

How to cite this article: Zemmez Y, Farai Y, El Aidouni S, El Azhari J, El Amraoui M, Frikh R, Hjira N. Role of skin microbiota and environmental factors in acne: Case-control study of 60 patients. Our Dermatol Online. 2026;17(Supp. 1):16-22.

Submission: 17.03.2026; **Acceptance:** 24.04.2026

DOI: 10.7241/ourd.2026S1.3

Our Dermatology Online

Original Article

Rôle du microbiote cutané et des facteurs environnementaux dans l'acné: Étude cas-témoins sur 60 patients

Youssef Zemmez[1], Yasmine Farai[1], Sanaa El Aidouni[2], Jouad El Azhari[1], Mohamed El Amraoui[1], Rachid Frikh[1], Naoufal Hjira[1]

[1]Department of Dermatology and Venereology, Mohammed V Military Teaching Hospital, Rabat, Morocco, [2]Department of Biology, Faculty of Sciences, Ibn Tofail University, Kenitra, Morocco

Corresponding author: Youssef Zemmez, MD, E-mail: zemmez.youssef@gmail.com

RÉSUMÉ

Contexte: L'acné vulgaire est une maladie inflammatoire chronique multifactorielle affectant l'unité pilosébacée. Sa pathogenèse implique traditionnellement l'hyperproduction de sébum, l'hyperkératinisation folliculaire et *Cutibacterium acnes*. Des études récentes ont révélé un changement de paradigme: la dysbiose du microbiome cutané, plutôt que la simple prolifération de *C. acnes*, joue un rôle central. **Objectifs:** Analyser la composition du microbiote cutané chez les patients acnéiques comparativement aux sujets sains, et évaluer l'influence des facteurs environnementaux sur le développement et la sévérité de l'acné. **Méthodes:** Étude cas-témoins menée à l›Hôpital Militaire d›Instruction Mohammed V (Rabat, janvier-juin 2025) incluant 60 participants (30 acnéiques, 30 témoins, 12-35 ans). Prélèvements cutanés (front, joues, menton) cultivés sur gélose au sang, gélose chocolat, Chapman et Sabouraud-chloramphénicol. Identification par microscopie et galeries API Biomerieux. **Résultats:** Les patients acnéiques présentaient: IMC élevé (23,79±1,75 vs 21,71±2,4 kg/m², p=0,043), hyperandrogénisme (36,7% vs 13,3%, p=0,037), alimentation à index glycémique élevé (80% vs 33,3%, p=0,0007), produits laitiers quotidiens (70% vs 40%, p=0,038), stress élevé (76,7% vs 46,7%, p=0,034), et coucher tardif (66,6% vs 36,7%, p=0,039). *C. acnes* était plus fréquent (66,6% vs 20%, p=0,0003), *S. epidermidis* moins fréquent (23,3% vs 23,7%, p=0,0084). Levures (63,3% vs 20%, p=0,0014) et polymicrobisme (66,6% vs 30%, p=0,0092) augmentés. Corrélation sévérité-*C. acnes*: 11%(GEA 1-2) → 86%(GEA 4-5). **Conclusions:** L'acné résulte d'une interaction complexe entre dysbiose microbienne et facteurs environnementaux. Le déséquilibre *C. acnes*/*S. epidermidis* joue un rôle central. Ces résultats orientent vers une prise en charge personnalisée combinant traitements classiques et approches nutritionnelles/microbiotiques.

Mots cles: Acné, Microbiote cutané, Facteurs environnementaux, Cas témoins

INTRODUCTION

L'acné vulgaire est une dermatose inflammatoire chronique de l'unité pilosébacée touchant environ 85% des adolescents et 11% des adultes mondialement[1]. Elle se caractérise par des lésions polymorphes (comédons, papules, pustules, nodules) localisées principalement au visage, thorax et dos. L'impact psychosocial est considérable[1].

La pathogenèse classique repose sur quatre piliers: (1) hyperproduction de sébum, (2) hyperkératinisation folliculaire, (3) colonisation par *Cutibacterium acnes* (ex-*Propionibacterium acnes*), et (4) inflammation

How to cite this article: Tounouga DN, Kitha P, Tazanou A, Legonou C, Balola C, Ntouala N, Dotsop L, Akpadjan F, Atadokpede F. Rôle du microbiote cutané et des facteurs environnementaux dans l'acné: Étude cas-témoins sur 60 patients. Our Dermatol Online. 2026;17(Supp. 1):16-22.

Submission: 23.02.2026; **Acceptance:** 24.04.2026
DOI: 10.7241/ourd.2026S1.3

immunitaire [2]. Des facteurs secondaires (alimentation, stress, hormones) sont également impliqués [3].

La compréhension du microbiome cutané a connu un changement de paradigme. Leyden et al. (1975) avaient identifié des densités élevées de *Propionibacterium* chez les acnéiques (114 800 organismes/cm²) [4]. Cependant, les recherches récentes montrent que ce n'est pas la prolifération de *C. acnes* mais la dysbiose globale et la perte de diversité des phylotypes qui sont déterminantes [5,6].

La sévérité de l'acné est associée à une perte de diversité des souches de *C. acnes* avec prédominance du phylotype IA1 virulent [6]. L'interaction entre *C. acnes* et *Staphylococcus epidermidis* est critique pour l'homéostasie cutanée. Dagnelie et al. ont démontré qu'un déséquilibre entre ces deux espèces entraîne une inflammation accrue [7].

L'influence des facteurs environnementaux est de plus en plus documentée. Tamer (2024) a confirmé que l'IMC et la masse grasse sont significativement plus élevés chez les acnéiques [8]. L'alimentation à index glycémique élevé a été associée à l'acné par Ismail et al. (2012) et Burris et al. (2014) [9,10], tandis que Di Landro et al. (2012) ont identifié une association avec la consommation de lait [11].

Le stress et la qualité du sommeil ont également été reconnus comme contributeurs. Misery et al. (2015) et Zhu et al. (2023) ont documenté ces associations [12,13]. Cette étude vise à analyser le microbiote cutané chez des patients marocains et à évaluer l'influence des facteurs environnementaux sur l'acné.

PATIENTS ET MÉTHODES

Type Et Période d'étude

Étude observationnelle, comparative, transversale, cas-témoins menée au service de Dermatologie et Vénérologie de l›Hôpital Militaire d›Instruction Mohammed V à Rabat sur une période de six mois (janvier à juin 2025).

Population d'étude

Soixante participants ont été recrutés: 30 patients acnéiques (groupe cas) et 30 sujets sains (groupe témoin), âgés de 12 à 35 ans. Les critères d'inclusion pour le groupe cas comprenaient un diagnostic clinique d'acné active. Les critères d'exclusion incluaient: traitement antibiotique systémique ou topique dans les 4 semaines précédentes, traitement par rétinoïdes dans les 6 mois précédents, utilisation récente de corticoïdes, dermatoses inflammatoires concomitantes, et grossesse/allaitement.

Évaluation Clinique

Pour chaque participant, un examen dermatologique complet a été réalisé. La sévérité de l'acné a été évaluée selon l'échelle GEA (Global Evaluation of Acne) graduée de 0 à 5. Les données anthropométriques (poids, taille, IMC) ont été recueillies. Un questionnaire standardisé a évalué les facteurs environnementaux: habitudes alimentaires (consommation de produits laitiers, aliments à index glycémique élevé), niveau de stress perçu, qualité du sommeil (heure de coucher), et signes cliniques d'hyperandrogénisme.

Prélèvements et Analyse Microbiologique

Les prélèvements cutanés ont été effectués à l'aide d'écouvillons stériles sur trois sites: front, joues et menton. Après prélèvement, les écouvillons ont été immédiatement placés dans un milieu de transport Brain Heart Infusion (BHI) et acheminés au laboratoire dans un délai maximum de 2 heures.

Les échantillons ont été ensemencés sur différents milieux de culture: gélose au sang (pour bactéries aérobies et anaérobies), gélose chocolat enrichie (pour bactéries exigeantes), milieu de Chapman (pour staphylocoques), et gélose Sabouraud-chloramphénicol (pour levures et champignons). Les cultures ont été incubées à 37°C pendant 24 à 48 heures en conditions aérobies et anaérobies.

L'identification des micro-organismes a été réalisée par examen microscopique (coloration de Gram) et tests biochimiques utilisant les galeries API (bioMérieux): API Staph pour staphylocoques, API 20 A pour anaérobies, et API Candida pour levures.

Analyse Statistique

Les données ont été saisies et analysées avec Microsoft Excel et IBM SPSS Statistics version 27. Les variables quantitatives sont exprimées en moyenne ± écart-type, et les variables qualitatives en effectifs et pourcentages. Le test t de Student a été utilisé pour comparer les

moyennes entre groupes. Le test du Chi-2 ou le test exact de Fisher (effectifs <5) ont été utilisés pour les variables qualitatives. Un seuil de significativité de $p<0,05$ a été retenu.

RÉSULTATS

Caractéristiques Démographiques et Cliniques

L'âge moyen des participants était de 22,1±5,3 ans dans le groupe acné et 21,8±4,9 ans dans le groupe témoin ($p=0,82$). La répartition par sexe montrait une prédominance féminine dans les deux groupes (60% femmes vs 40% hommes). L'IMC moyen était significativement plus élevé chez les patients acnéiques (23,79±1,75 kg/m²) comparé aux témoins (21,71±2,4 kg/m²) ($p=0,043$). Les signes d'hyperandrogénisme étaient plus fréquents chez les acnéiques (36,7%) que chez les témoins (13,3%) ($p=0,037$) (Tableau 1).

Parmi les patients acnéiques, l'acné de type mixte (rétentionnelle et inflammatoire) était la plus fréquente (53,3%), suivie de l'acné inflammatoire pure (33,3%) et rétentionnelle pure (13,3%). Selon la classification GEA, 30% présentaient une acné légère (GEA 1-2), 46,7% une acné modérée (GEA 3), et 23,3% une acné sévère (GEA 4-5).

Résultats Microbiologiques

L'analyse microbiologique a révélé des différences significatives dans la composition du microbiote cutané entre les deux groupes (Tableau 2). *Cutibacterium acnes* était isolé chez 66,6% des patients acnéiques contre 20% des témoins ($p=0,0003$). À l'inverse, *Staphylococcus epidermidis* était moins fréquent chez les acnéiques (23,3%) que chez les témoins (23,7%) ($p=0,0084$).

Les levures (*Malassezia* spp. et *Candida* spp.) étaient significativement plus fréquentes chez les patients acnéiques (63,3%) que chez les témoins (20%) ($p=0,0014$). Le polymicrobisme, défini par la présence de deux micro-organismes ou plus, était également plus fréquent dans le groupe acné (66,6% vs 30%, $p=0,0092$).

Corrélation Entre Microbiote et Sévérité de l'acné

L'analyse de la composition microbienne en fonction de la sévérité de l'acné (Tableau 3) a révélé une corrélation positive entre la prévalence de *C. acnes* et la sévérité (Fig. 1). Dans l'acné légère (GEA 1-2), *C. acnes* était présent chez 11% des patients, cette prévalence atteignant 83% dans l'acné modérée (GEA 3) et 86% dans l'acné sévère (GEA 4-5). De même, *Staphylococcus aureus* était significativement plus fréquent dans l'acné sévère (57%) comparé à l'acné légère (11%).

Tableau 1: Demographic and anthropometric characteristics and risk factors

Paramètre	Patients acnéiques (n=30)	Témoins (n=30)	p
Âge (ans, moyenne±ET)	22,1±5,3	21,8±4,9	0,82
Sexe féminin (n, %)	18 (60%)	18 (60%)	1,0
IMC (kg/m², moyenne±ET)	23,79±1,75	21,71±2,4	**0,043**
Hyperandrogénisme (n, %)	11 (36,7%)	4 (13,3%)	**0,037**
Alimentation à IG élevé (n, %)	24 (80%)	10 (33,3%)	**0,0007**
Produits laitiers quotidiens (n, %)	21 (70%)	12 (40%)	**0,038**
Stress élevé (n, %)	23 (76,7%)	14 (46,7%)	**0,034**
Coucher après minuit (n, %)	20 (66,6%)	11 (36,7%)	**0,039**

ET = écart-type; IG=index glycémique; IMC=indice de masse corporelle.
Valeurs en gras=p<0,05

Tableau 2: Microbiological results

Micro-organisme	Patients acnéiques (n=30)	Témoins (n=30)	p
Cutibacterium acnes (n, %)	20 (66,6%)	6 (20%)	0,0003
Staphylococcus epidermidis (n, %)	7 (23,3%)	7 (23,7%)	0,0084
Staphylococcus aureus (n, %)	12 (40%)	3 (10%)	0,014
Levures (Malassezia, Candida) (n, %)	19 (63,3%)	6 (20%)	0,0014
Corynebacterium spp. (n, %)	5 (16,7%)	8 (26,7%)	0,32
Polymicrobisme (n, %)	20 (66,6%)	9 (30%)	0,0092

Valeurs en gras=p<0,05

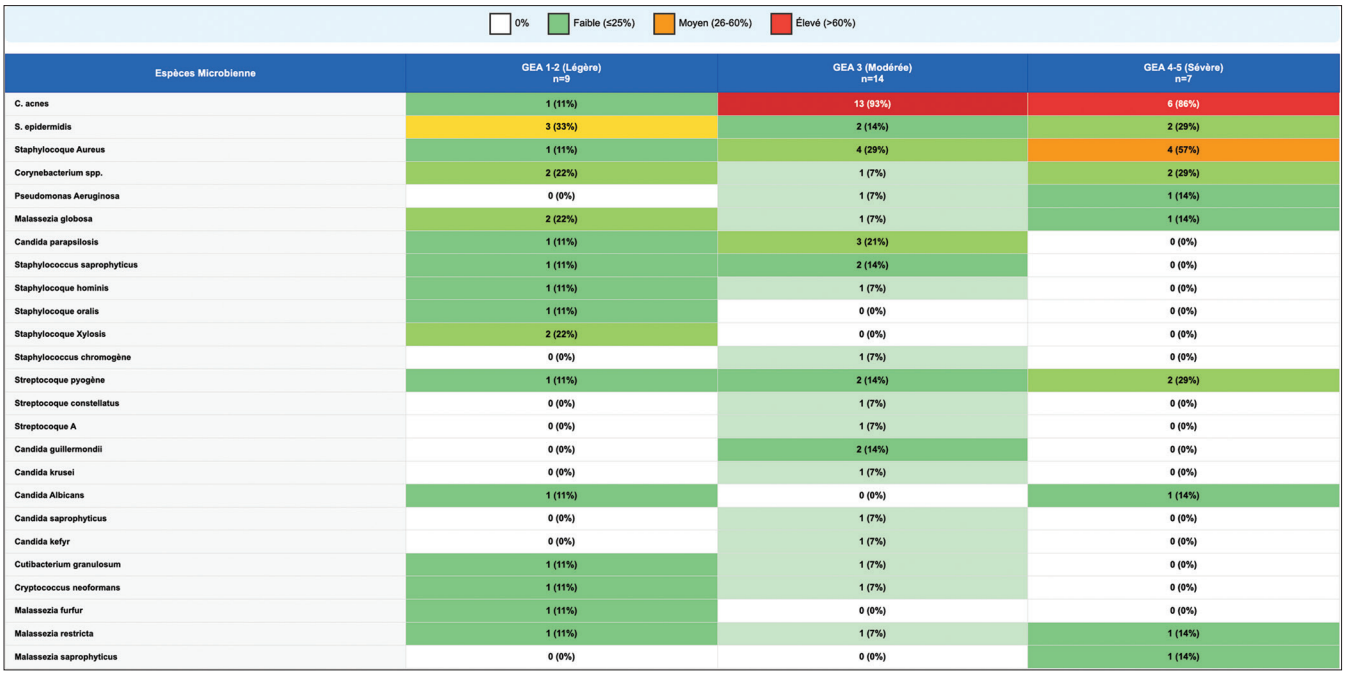
Tableau 3: Microbial distribution according to acne severity

Micro-organisme	Acné légère (GEA 1-2) n=9	Acné modérée-sévère (GEA 3-5) n=21
C. acnes (n, %)	1 (11%)	19 (90%)
S. epidermidis (n, %)	4 (44%)	3 (14%)
S. aureus (n, %)	1 (11%)	11 (52%)
Levures (n, %)	3 (33%)	16 (76%)
Polymicrobisme (n, %)	2 (22%)	18 (86%)

GEA=Global Evaluation of Acne

DISCUSSION

Cette étude confirme le rôle central de la dysbiose du microbiome cutané dans la pathogenèse de l'acné, en accord avec le changement de paradigme observé dans la littérature scientifique récente [5,6]. Nos résultats montrent une augmentation significative de *Cutibacterium acnes* chez les patients acnéiques (66,6% vs 20%, $p=0,0003$), cohérente avec les observations historiques de Leyden et al. (1975) qui avaient



Espèces Microbienne	GEA 1-2 (Légère) n=9	GEA 3 (Modérée) n=14	GEA 4-5 (Sévère) n=7
C. acnes	1 (11%)	13 (93%)	6 (86%)
S. epidermidis	3 (33%)	2 (14%)	2 (29%)
Staphylocoque Aureus	1 (11%)	4 (29%)	4 (57%)
Corynebacterium spp.	2 (22%)	1 (7%)	2 (29%)
Pseudomonas Aeruginosa	0 (0%)	1 (7%)	1 (14%)
Malassezia globosa	2 (22%)	1 (7%)	1 (14%)
Candida parapsilosis	1 (11%)	3 (21%)	0 (0%)
Staphylococcus saprophyticus	1 (11%)	2 (14%)	0 (0%)
Staphylocoque hominis	1 (11%)	1 (7%)	0 (0%)
Staphylocoque oralis	1 (11%)	0 (0%)	0 (0%)
Staphylocoque Xylosis	2 (22%)	0 (0%)	0 (0%)
Staphylococcus chromogène	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Streptocoque pyogène	1 (11%)	2 (14%)	2 (29%)
Streptocoque constellatus	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Streptocoque A	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Candida guillermondii	0 (0%)	2 (14%)	0 (0%)
Candida krusei	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Candida Albicans	1 (11%)	0 (0%)	1 (14%)
Candida saprophyticus	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Candida kefyr	0 (0%)	1 (7%)	0 (0%)
Cutibacterium granulosum	1 (11%)	1 (7%)	0 (0%)
Cryptococcus neoformans	1 (11%)	1 (7%)	0 (0%)
Malassezia furfur	1 (11%)	0 (0%)	0 (0%)
Malassezia restricta	1 (11%)	1 (7%)	1 (14%)
Malassezia saprophyticus	0 (0%)	0 (0%)	1 (14%)

Figure 1: Distribution of microbial species according to acne severity.

documenté des densités élevées de *Propionibacterium* chez les adolescents acnéiques [4].

Cependant, notre étude révèle également un déséquilibre important dans la représentation de *Staphylococcus epidermidis*, cette bactérie commensale protectrice étant relativement diminuée chez les patients acnéiques. Dagnelie et al. (2019) ont démontré que ce déséquilibre entre *C. acnes* et *S. epidermidis* contribue à l'inflammation cutanée, *S. epidermidis* ayant des propriétés anti-inflammatoires qui contrebalancent les effets pro-inflammatoires de *C. acnes* [7]. O'Neill et al. (2020) ont également confirmé ce rôle protecteur de *S. epidermidis* dans le maintien de l'homéostasie cutanée [6].

Notre étude met en évidence une corrélation claire entre la sévérité de l'acné et la dysbiose microbienne. La prévalence de *C. acnes* augmente de 11% dans l'acné légère à 86% dans l'acné sévère, tandis que *S. aureus* passe de 11% à 57% (Fig. 1). Ces résultats sont cohérents avec les observations de Dagnelie et al. (2019) qui ont démontré une augmentation de la dysbiose avec la sévérité clinique [7]. La présence accrue de *S. aureus* dans l'acné sévère suggère un rôle pathogénique additionnel dans les formes inflammatoires et nodulokystiques.

L'augmentation significative des levures (*Malassezia* et *Candida* spp.) chez les patients acnéiques (63,3% vs 20%, $p=0,0014$) représente une observation importante. Bien que le rôle exact des levures dans la pathogenèse de l'acné reste débattu, leur présence accrue pourrait refléter une dysbiose plus globale de l'écosystème cutané. *Malassezia* est connue pour sa capacité à induire une inflammation locale et pourrait contribuer à l'exacerbation des lésions acnéiques.

Concernant les facteurs environnementaux, notre étude confirme l'association entre IMC élevé et acné (23,79±1,75 vs 21,71±2,4 kg/m², $p=0,043$). Ces résultats concordent avec l'étude récente de Tamer (2024) en Turquie qui a démontré que l'IMC, le pourcentage de graisse corporelle et la masse grasse étaient significativement plus élevés chez les patients acnéiques [8]. L'obésité et le surpoids peuvent influencer l'acné par plusieurs mécanismes: résistance à l›insuline, augmentation de la production d›androgènes, et état pro-inflammatoire chronique.

L'association entre alimentation à index glycémique élevé et acné observée dans notre étude (80% vs 33,3%, $p=0,0007$) est cohérente avec plusieurs études internationales. Ismail et al. (2012) en Malaisie ont rapporté une prévalence d'acné de 47% chez les étudiants consommant fréquemment des aliments à IG élevé [9]. Burris et al. (2014) ont également confirmé cette association dans une population new-yorkaise [10]. Les aliments à IG élevé induisent une hyperglycémie et une hyperinsulinémie, stimulant

la production d'androgènes et l'activité de l'IGF-1 (insulin-like growth factor-1), favorisant ainsi la sébogenèse et la prolifération kératinocytaire.

La consommation quotidienne de produits laitiers était significativement plus élevée chez les patients acnéiques (70% vs 40%, p=0,038), confirmant les observations de Di Landro et al. (2012) en Italie qui ont trouvé une association entre consommation de lait et acné [11]. Le lait contient des hormones bioactives et des facteurs de croissance (IGF-1, hormones stéroïdiennes) qui peuvent stimuler la production de sébum et l'hyperprolifération kératinocytaire.

Les facteurs psychosociaux jouent également un rôle important. Notre étude montre qu'un niveau de stress élevé est significativement plus fréquent chez les patients acnéiques (76,7% vs 46,7%, p=0,034), cohérent avec les travaux de Misery et al. (2015) qui ont documenté le lien bidirectionnel entre stress et acné [12]. Le stress active l'axe hypothalamo-hypophyso-surrénalien et stimule la production de substance P et de corticotropin-releasing hormone (CRH) par les kératinocytes et sébocytes, augmentant la production de sébum et l'inflammation. Zhu et al. (2023) ont démontré en Chine que le stress et la qualité du sommeil étaient des facteurs de risque indépendants pour l'acné chez les adolescents [13].

Le coucher tardif après minuit était plus fréquent chez les acnéiques (66,6% vs 36,7%, p=0,039). La privation de sommeil et les perturbations du rythme circadien peuvent affecter l'homéostasie cutanée, augmenter l'inflammation systémique et altérer la fonction barrière de la peau. L'étude de Zhu et al. (2023) a confirmé que la fatigue et la mauvaise qualité du sommeil étaient associées à une prévalence accrue d'acné faciale [13].

CONCLUSION

Cette étude confirme que l'acné résulte d'une interaction complexe entre dysbiose du microbiome cutané et facteurs environnementaux modifiables. Le déséquilibre entre Cutibacterium acnes et Staphylococcus epidermidis, associé à un polymicrobisme accru et à la présence de levures, caractérise le profil microbiologique des patients acnéiques. La sévérité clinique corrèle avec le degré de dysbiose microbienne.

Les facteurs environnementaux identifiés (IMC élevé, alimentation à index glycémique élevé, consommation de produits laitiers, stress, privation de sommeil) représentent des cibles thérapeutiques modifiables. Ces résultats ouvrent la voie à une approche personnalisée combinant traitements dermatologiques classiques, conseils nutritionnels, gestion du stress et optimisation du sommeil.

Des études futures utilisant des techniques de séquençage de nouvelle génération (NGS) pour caractériser les phylotypes de C. *acnes* et le microbiome global, avec des échantillons plus larges et un suivi longitudinal, sont nécessaires pour mieux comprendre les mécanismes de la dysbiose et développer des interventions thérapeutiques ciblées, incluant potentiellement des probiotiques cutanés ou des modifications diététiques spécifiques.

Forces Et Limites De l'étude

Les forces de cette étude incluent une comparaison directe cas-témoins, l'évaluation de multiples facteurs cliniques et environnementaux, et l'utilisation de méthodes microbiologiques simples et reproductibles en contexte hospitalier. Les limites principales sont l'utilisation exclusive de méthodes de culture (excluant les bactéries non cultivables), l'absence d'analyse moléculaire pour identifier les phylotypes de C. *acnes*, la taille d'échantillon modeste (30+30), et le design transversal ne permettant pas d'établir de causalité.

Sources De Financement

Aucun financement externe n'a été reçu pour cette étude.

Conflits d'intérêts

Les auteurs déclarent n'avoir aucun conflit d'intérêts.

Déclaration Éthique

Cette étude a été réalisée conformément aux principes éthiques de la Déclaration d'Helsinki. Au moment de la réalisation de l'étude, il n'existait pas de comité d'éthique local pour l'évaluation des protocoles. Les données ont été recueillies et analysées de manière anonymisée en respectant strictement la confidentialité des patients.

REFERENCES

1. Bhate K, Williams HC. Epidemiology of acne vulgaris. Br J Dermatol. 2013;168:474-85.

2. Williams HC, Dellavalle RP, Garner S. Acne vulgaris. Lancet. 2012;379:361-72.
3. Tan JK, Bhate K. A global perspective on the epidemiology of acne. Br J Dermatol. 2015;172(Suppl 1):3-12.
4. Leyden JJ, McGinley KJ, Mills OH, Kligman AM. Age-related changes in the resident bacterial flora of the human face. J Invest Dermatol. 1975;65:379-81.
5. Dréno B, Pécastaings S, Corvec S, Veraldi S, Khammari A, Roques C. Cutibacterium acnes (Propionibacterium acnes) and acne vulgaris: a brief look at the latest updates. J Eur Acad Dermatol Venereol. 2018;32(Suppl 2):5-14.
6. O'Neill AM, Gallo RL. Host-microbiome interactions and recent progress into understanding the biology of acne vulgaris. Microbiome. 2018;6:177.
7. Dagnelie MA, Corvec S, Saint-Jean M, Dréno B, Khammari A, Nguyen JM, et al. Decrease in diversity of *Propionibacterium acnes* phylotypes in patients with severe acne on the back. Acta Derm Venereol. 2019;99:301-6.
8. Tamer F. Is there a relationship between body mass index, waist circumference, waist-to-height ratio, and acne vulgaris in adolescents? Turk J Med Sci. 2024;54:73-80.
9. Ismail NH, Manaf ZA, Azizan NZ. High glycemic load diet, milk and ice cream consumption are related to acne vulgaris in Malaysian young adults: a case control study. BMC Dermatol. 2012;12:13.
10. Burris J, Rietkerk W, Woolf K. Relationships of self-reported dietary factors and perceived acne severity in a cohort of New York young adults. J Acad Nutr Diet. 2014;114:384-92.
11. Di Landro A, Cazzaniga S, Parazzini F, Ingordo V, Cusano F, Atzori L, et al. Family history, body mass index, selected dietary factors, menstrual history, and risk of moderate to severe acne in adolescents and young adults. J Am Acad Dermatol. 2012;67:1129–35.
12. Misery L, Wolkenstein P, Amici JM, Maghia R, Brenaut E, Cazenave-Roblot F, et al. Consequences of acne on stress, fatigue, sleep disorders and sexual activity: a population-based study. Acta Derm Venereol. 2015;95:485–9.
13. Zhu T, Zhu Y, Wang T, Zhu L, Hu Y. Association between stress, sleep characteristics, and facial acne in Chinese adolescents. BMC Public Health. 2023;23:2382.

Copyright by Youssef Zemmez, et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Source of Support: This article has no funding source.

Conflict of Interest: The authors have no conflict of interest to declare.